第 37 卷第 5 期
2017 年 3 月
生　态　学　报
ACTA ECOLOGICA SINICA
Vol.37,No.5
Mar.,2017

DOI: 10.5846/stxb201509151898
曹永昌,杨瑞,刘帅,王紫泉,和文祥,耿增超.秦岭典型林分夏秋两季根际与非根际土壤微生物群落结构.生态学报,2017,37(5):1667-1676.
Cao Y C,Yang R,Liu S,Wang Z Q,He W X,Geng Z C.Characteristics of microbial community in forest soil between rhizosphere and non-rhizosphere in summer and autumn in Qinling Mountains, China.Acta Ecologica Sinica,2017,37(5):1667-1676.

秦岭典型林分夏秋两季根际与非根际土壤微生物群落结构

曹永昌[1,2],杨　瑞[1],刘　帅[1],王紫泉[1],和文祥[1,*],耿增超[1]
1 西北农林科技大学资源环境学院,农业部西北植物营养与农业环境重点实验室, 杨凌　712100
2 金正大生态工程集团股份有限公司,养分资源高效开发与综合利用国家重点实验室, 临沭　276700

摘要:本试验主要以秦岭山脉锐齿栎(*Quercus aliena* var. *acutidentata*)、油松(*Pinus tabuliformis*)、华山松(*Pinus armandii*)、云杉(*Picea asperata*)4 种典型林分为对象,利用 BIOLOG 微孔板法研究 4 种林分夏、秋两季根际与非根际土壤微生物群落代谢多样性。研究表明:(1)夏、秋季土壤根际与非根际的平均颜色变化率(AWCD)值截然不同,除秋季云杉外,其余处理均表现为非根际>根际,且 AWCD 明显受到季节的影响。(2)夏秋两季 4 种林分根际与非根际土壤微生物功能多样性之间差异显著,其中锐齿栎林夏秋两季均表现为根际小于非根际,而其它 3 种针叶林则是夏季根际小于非根际,秋季根际大于非根际;锐齿栎林根际与非根际均为秋季低于夏季,其他 3 种针叶林则是非根际土秋季低于夏季,而根际土秋季高于夏季。(3)主成分分析显示各土壤微生物功能多样性具有显著差异,且 4 种林分夏秋两季根际与非根际主成分综合得分也有所不同,4 种林分非根际土综合得分锐齿栎最高,其次是华山松和云杉,油松最低;根际土夏秋规律不同,夏季华山松和油松较高,云杉最低,秋季油松和云杉较高,锐齿栎最低,且综合得分与多样性指数达到显著或极显著的正相关。(4)冗余分析表明土壤理化性质的综合作用对土壤微生物群落功能多样性有显著影响。

关键词:土壤微生物; 秦岭; 根际; 非根际; 多样性指数; 季节

Characteristics of microbial community in forest soil between rhizosphere and non-rhizosphere in summer and autumn in Qinling Mountains, China

CAO Yongchang[1,2],YANG Rui[1],LIU Shuai[1],WANG Ziquan[1],HE Wenxiang[1,*],GENG Zengchao[1]
1 *College of Resources and Environment, Northwest Agriculture and Forestry University. Key Laboratory of Plant Nutrition and the Agri-environment in Northwest China, Ministry of Agriculture, Yangling* 712100, *China*
2 *Kingenta Ecological Engineering Group Co. Ltd, State Key Laboratory of Nutrition Resources Integrated Utilization, Linshu* 276700, *China*

Abstract: This study focused primarily on the biodiversity of microbial communities in soil between the rhizosphere and non-rhizosphere in summer and autumn among four types of common trees—the Tooth Oak (*Quercus aliena* var. *acutidentata*), Chinese pine (*Pinus tabuliformis*), armand pine (*Pinus armandii*) and spruce (*Picea asperata*)—on the Qinling Mountain, China, using the micro BIOLOG method. We found that: (1) The Average Well Color Development (AWCD) of the soil in the rhizosphere was significantly different from that in the non-rhizosphere in most of the seasons, with AWCD in the non-rhizosphere being higher than that in the rhizosphere, except for the soil where spruce was grown in autumn. (2) Biodiversity of microbial communities differed remarkably between rhizosphere and non-rhizosphere in the soil where the four different types of trees were grown in either summer or autumn. For soil where tooth oak was grown, the

基金项目:国家林业公益性行业科研专项(201304307);国家自然科学基金项目(41571245);西北农林科技大学"基本科研业务费科研创新重点项目"(ZD2013012)

收稿日期:2015-09-15;　　**网络出版日期**:2016-07-13

* 通讯作者 Corresponding author.E-mail: wxhe1968@163.com

biodiversity of microbes in the rhizosphere was lower than that of the non-rhizosphere in both summer and autumn, and both these values were in lower in summer than in autumn. While the biodiversity of microbes in soil among the other three coniferous trees showed similar trends to that of tooth oak in summer, they exhibited the reverse of this trend in autumn. Furthermore, the biodiversity of these soils in autumn was lower than that in summer in the non-rhizosphere but higher in the rhizosphere. (3) The results of principal component analysis indicated that the biodiversity of microbial communities in the soil for these four types of trees was significantly different, and the principal component scores for biodiversity among the four studied species in either the rhizosphere or non-rhizosphere in different seasons also varied substantially. The highest score among all studied species was found in the non-rhizosphere of the soil where tooth oak grew, followed by that of armand pine, and spruce, with that of Chinese pine being the least. The principal component score for the soil in the rhizosphere varied with season—in summer, the score was relatively high for Chinese pine and armand pine and lower for spruce. In autumn, the score was relatively high for Chinese pine and spruce and lower for tooth oak. The correlation between the comprehensive score and biodiversity index in all cases was positive or extremely positive. (4) Redundancy analysis showed that the combined effects of soil properties have a significant impact on the biodiversity of microbial communities in the soil.

Key Words: microorganisms; soil; rhizosphere; non-rhizosphere; biodiversity index; season

秦岭作为我国南北气候分界线的主要林区,在调节气候、固碳以及保护珍稀物种等方面发挥重要作用,且其独特的地理位置和复杂的自然环境孕育了丰富的植物资源,在不同的海拔范围生长着典型的植物类型,如锐齿栎、华山松、油松、云杉等[1]。根际是植物能量和物质代谢最活跃的部位之一,其中包括的微生物数量远高于非根际土壤,且根际微生物能对根际释放的营养物质做出响应[2-3],其生理活动会明显影响土壤性状、植物养分吸收、生长状况[4-6],最终导致植物群落和陆地生态系统碳循环及格局的变化,对提高土壤肥力、改善土壤生态环境具有重要意义[7]。国内外学者从分子生物学方法研究显示林分类型会对土壤微生物群落产生影响[8],且具有明显的季节变化特征[9];同一林分微生物对碳源优先利用种类和程度及树种间的菌根根际微生物多样性差异显著[10-11];天然次生林比人工林和荒地的土壤微生物群落多样性更高,揭示自然恢复更有利于土壤微生物结构和功能的改善[12];秦岭地区落叶松林根际微生物数量大于松栎混交林[14],土壤中细菌>放线菌>真菌[15]。可见一方面森林生态系统的恢复与保护不仅要考虑植物多样性,更要关注土壤微生物多样性的特征,其一直是土壤生态学研究难点和热点[13],另一方面对秦岭地区根际与非根际土壤微生物特征受典型林分影响缺乏系统研究[16]。因此有必要对秦岭山地土壤微生物特征进行探讨,揭示该地区森林生态系统属性过程的季节变化规律并进行科学预测,最终为秦岭地区针叶林和阔叶林森林生态系统的保护和合理综合开发利用提供科学依据。

本文以秦岭4种典型林分为对象,采用BIOLOG方法研究夏、秋两季根际与非根际土壤微生物功能多样性变化特征,以期探明:(1)典型林分下根际与非根际土壤微生物主要碳源类型及其代谢特征;(2)夏秋两季对4种林分土壤微生物碳源类型及其代谢特征的影响;(3)分析土壤微生物与环境因子之间的内在联系。最终为定向调控秦岭森林的发育和森林生态系统的保护提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

在秦岭山脉中选取马头滩林场的锐齿栎(*Quercus aliena* var. *acutidentata*)、油松 *Pinus tabuliformis*)、华山松(*Pinus armandii*)以及辛家山林场的云杉(*Picea asperata*)4个典型林地(表1)。每个林地中选取20 m×20 m三个标准样方,分别于夏(S)秋(A)两季无菌操作方法采集根际(R)与非根际(N)土样。其中根际土:在每个样方内选取3株树龄相近的树木,“品字形”采集0—10 cm剖面且距根表小于5 mm的土壤样品;非根际土:

在每个样方先去除表层枯枝落叶,然后 5 个采样点采集 0—10 cm 土样。将每个样方采集土样混匀后,部分置于 4℃冰箱保存测定土壤微生物多样性;其余土壤风干,过筛,常规方法分析土壤 pH、有机质、全氮、碱解氮、速效磷、速效钾、缓效钾等基本理化性质[17]。

1.2 试验方法

取过 2mm 筛相当 5g 风干土的新鲜土样,加入 45 mL0.85%灭菌盐水,振荡(200 r/min)30 min,制备 10^{-1} 土壤悬液,然后系列稀释至 10^{-3},吸取 150μL,接种至 ECO 生态测试板,加盖,在(25±1) ℃下培养 120 h,每隔 12 h 在 590 nm 下测定读数。其中 31 种单一碳源分为 6 大类[18]:氨基酸类(6 种)、羧酸类(5 种)、糖类(12 种)、胺类(2 种)、多聚物类(4 种)和芳香化合物类(2 种)[19]。

表 1　样地基本信息

Table 1　The basic information of the plots

编号 No.	植被类型 Vegetation type	林地密度 Forest density/(株/m^2)	灌木密度 Shrub density/(株/m^2)	草本密度 Herb density/(株/m^2)	凋落物量 Litter fall/(t/hm^2)	经度 Latitude	纬度 Longitude
TO	锐齿栎	0.065	0.383	0.258	2.761	E 106°59′ 30.7″	N 34°13′ 34.5 ″
CP	油松	0.055	0.535	0.675	2.190	E 106°59′ 12.3″	N 34°13′ 26.5 ″
AP	华山松	0.151	0.528	0.96	6.068	E 106°59′ 3.7″	N 34°13′ 14.0″
SP	云杉	0.053	0.470	1.673	9.960	E 106°31′ 38.0″	N 34°16′ 51.4″

1.3 数据处理

1.3.1 平均颜色变化率(AWCD)

$$\mathrm{AWCD} = \sum (C_i - R)/n$$

式中,C_i为各反应孔的光密度值;R 为 ECO 板对照孔的光密度值,C_i-R 小于零的孔,计算中记为零,即 $C_i-R\geq 0$,$n=31$。

1.3.2 Gompertz 方程曲线[20]。

$$OD_{590}=A\times\exp[-\exp(U_m)\times e/A\times(\lambda-t)+1]$$

式中,A 为最大吸光度,λ 到达指数增长期所需时间(时滞相),U_m 为最大吸光度变化率,t 为培养时间。

1.3.3 群落丰富度指数(S)

用碳源代谢孔的数目(AWCD> 0.2,则代表该孔碳源被利用,该孔即为反应孔)表示群落丰富度指数 。

1.3.4 Shannon 多样性指数(H')及 *McIntosh* 多样性指数(U):

$$H' = -\sum P_i \ln P_i,\qquad U = \sqrt{(\sum n_i^2)}$$

式中,P_i为每一孔吸光度除以所有孔吸光度的和。

$$N_i=C_i-R$$

1.3.5 Gini 多样性指数(D):

$$D=1-\sum P_i^2$$

1.4 数据分析

数据分析采用 Microsoft Excel 2003 进行基础数据处理,采用 SPSS 12.0 对平均颜色变化率和培养时间进行方程拟合,对培养 72 h 时土壤微生物群落多样性指数和对碳源的利用进行单因素方差分析,对培养 72 h 时 31 种碳源的平均吸光度进行主成分分析(PCA),采用 CANOCO 4.5 对土壤基本理化性质和 31 种碳源的平均吸光度进行冗余分析(RDA)。

2 结果

2.1 土壤微生物平均颜色变化率的变化

平均颜色变化率(AWCD)表征微生物群落碳源利用率,是土壤微生物群落利用单一碳源能力的一个重要

指标,反映了土壤微生物活性、微生物群落生理功能多样性。供试土壤 AWCD 值见图 1,可看出:随培养时间延长 AWCD 增长,在 24 h 之前 AWCD 很小,低于 0.018,说明此时碳源基本未被利用; 24—120 h AWCD 快速升高,反映 24 h 后碳源被大幅利用。相同培养时间下,夏、秋季土壤根际与非根际的 AWCD 值截然不同,除秋季云杉外,其余处理均表现为非根际>根际。季节对 4 种林分的 AWCD 有明显影响,其中锐齿栎和华山松为夏季>秋季;油松则相反,而云杉根际土秋季>夏季,非根际土夏季>秋季。

将 AWCD 值与时间按 Gompertz 方程曲线进行拟合,决定系数 R^2 均大于 0.974(表 2),反映可较好表征二者间关系。最大吸光度变化率(*Um*)揭示微生物对碳源的最快利用速率,表 2 可看出绝大多数处理表现为非根际土对碳源利用率快(云杉秋季除外);季节影响为锐齿栎、华山松和云杉的非根际土夏季快,其余处理相反。最大吸光度 A 反映微生物对碳源利用能力,油松、锐齿栎(夏)和云杉(夏)表现为非根际土壤利用能力强,其余处理根际土壤利用能力强;季节变化为油松、锐齿栎(非根际)、云杉(非根际)以及华山松(根际)秋季强,其余处理则相反。时滞相(λ)为到达指数增长期所需时间,即微生物快速利用碳源的能力,绝大多数处理均表现为非根际所需时间短(除夏季油松外);季节变化为锐齿栎与油松的非根际、华山松的根际秋季时间短,其余处理夏季时间短。

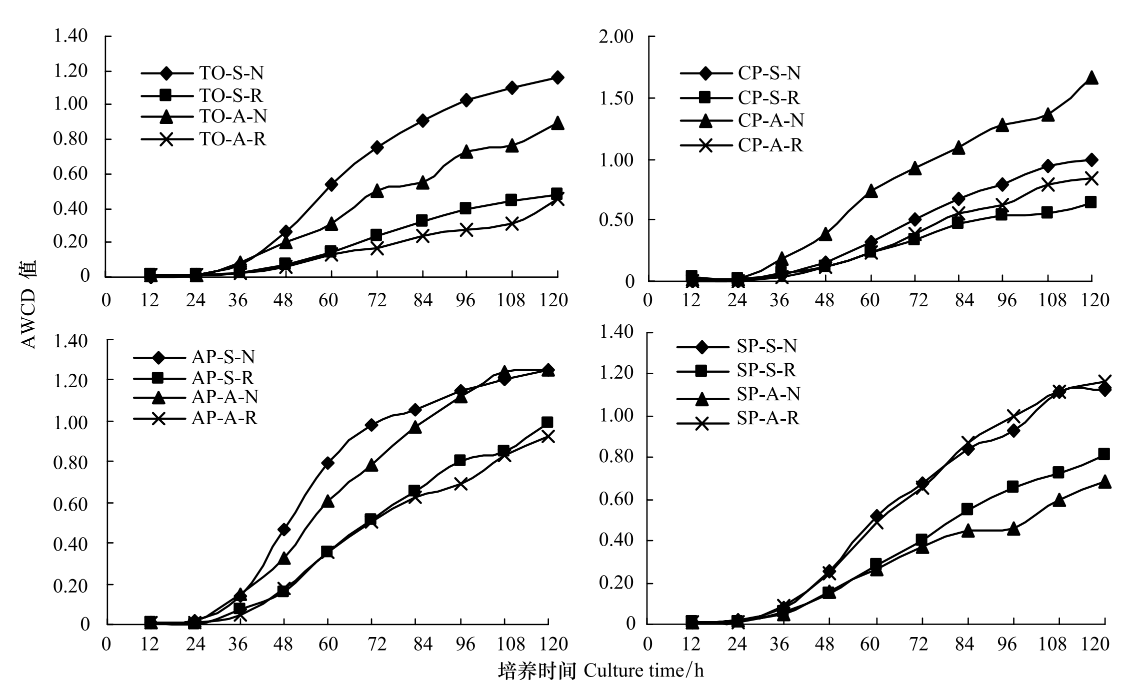


图 1 4 种林区平均颜色变化率

Fig.1 AWCD(average well color development)**of four treatments**

TO、CP、AP、SP 表示锐齿栎、油松、华山松和云杉,S 表示夏季,A 表示秋季,N 表示非根际土壤,R 表示根际土壤

2.2 土壤微生物群落多样性指数变化

土壤微生物群落功能多样性是土壤微生物群落状态与功能的指标,反映土壤中微生物的生态特征。不同林分的微生物群落 Shannon 指数(*H*)、丰富度指数(*S*)、McIntosh 指数(*U*)、Gini 指数(*D*)见表 3。不同林分表现出不同的多样性指数,其中锐齿栎均为非根际>根际土,夏季>秋季;油松、华山松和云杉均为夏季非根际>根际,秋季则非根际<根际,非根际秋季降低,根际秋季升高。

2.3 土壤微生物对碳源的利用变化

土壤微生物对不同碳源的利用反映了微生物的代谢功能类群。对培养 72h 时 6 类碳源利用情况进行分析发现,4 种林分对 6 类碳源的利用规律与多样性指数基本一致。但各林分随季节的优势和弱势碳源截然不同。4 种林分优势碳源依次为氨基酸类、多聚物类和胺类、糖类和多聚物类、糖类及氨基酸类;弱势碳源依次

为羧酸类和芳香类、芳香类和羧酸类、芳香类与羧酸类、芳香类。

表 2　Gompertz 方程曲线拟合参数

Table 2　The parameters of Gompertz fitting equation

植被 Vegetation	编号 Numbering	$OD_{590}=A\times\exp[-\exp(U_m\times e\times 1/A\times(\lambda-t)+1)]$			
		A	$U_m(\times 10^{-2})$	λ	R^2
锐齿栎	TO-S-N	1.20	2.10	35.43	0.999
	TO-S-R	0.55	0.80	41.70	1.000
	TO-A-N	1.06	1.20	32.46	0.993
	TO-A-R	1.18	0.60	50.28	0.974
油松	CP-S-N	1.18	1.50	39.60	0.999
	CP-S-R	0.71	1.00	35.32	0.995
	CP-A-N	1.83	2.10	29.03	0.989
	CP-A-R	1.06	1.20	41.01	0.997
华山松	AP-S-N	1.23	2.80	31.30	0.998
	AP-S-R	1.10	1.40	36.71	0.997
	AP-A-N	1.37	2.00	31.43	0.998
	AP-A-R	1.03	1.30	35.24	0.995
云杉	SP-S-N	1.23	1.80	33.89	0.996
	SP-S-R	0.95	1.20	36.23	0.999
	SP-A-N	0.83	0.80	31.49	0.986
	SP-A-R	1.28	1.90	35.11	0.999

TO、CP、AP、SP 表示锐齿栎、油松、华山松和云杉,S 表示夏季,A 表示秋季,N 表示非根际土壤,R 表示根际土壤

表 3　土壤微生物群落多样性指数

Table 3　The diversity index of soil microbial communities

植被 Vegetation	编号 Numbering	平均颜色变化率 AWCD	丰富度指数(S) Richness index	Shannon 指数(H) Shannon index	McIntosh 指数(U) McIntosh index	Gini 指数(D) Gini index
锐齿栎	TO-S-N	0.76±0.009a	19.33±0.333a	2.92±0.008a	5.83±0.045a	0.939±0.001a
	TO-S-R	0.23±0.009c	11.66±0.333c	2.53±0.038c	2.26±0.062c	0.905±0.003b
	TO-A-N	0.48±0.014b	17.00±0.000b	2.75±0.029b	3.81±0.030b	0.941±0.001a
	TO-A-R	0.17±0.009d	11.00±0.000c	2.67±0.021b	1.57±0.070d	0.915±0.006b
油松	CP-S-N	0.46±0.003b	16.00±0.000b	2.84±0.029b	3.79±0.026b	0.932±0.002b
	CP-S-R	0.36±0.007c	15.66±0.333b	2.83±0.022b	2.96±0.035c	0.932±0.001b
	CP-A-N	0.33±0.011d	14.00±0.000c	2.73±0.089b	3.03±0.033c	0.915±0.006c
	CP-A-R	0.95±0.015a	21.00±0.000a	3.01±0.008a	7.02±0.090a	0.943±0.000a
华山松	AP-S-N	0.96±0.006a	20.66±0.333a	2.97±0.003a	7.25±0.073a	0.941±0.001a
	AP-S-R	0.49±0.003c	17.00±0.000b	2.77±0.018b	4.36±0.005c	0.920±0.001c
	AP-A-N	0.49±0.003c	15.00±0.000c	2.73±0.022b	4.18±0.015d	0.925±0.001b
	AP-A-R	0.78±0.004b	21.00±0.000a	2.99±0.003a	5.94±0.035b	0.940±0.000a
云杉	SP-S-N	0.67±0.002a	19.00±0.000a	2.80±0.012b	5.78±0.073a	0.923±0.002b
	SP-S-R	0.35±0.010d	16.33±0.333b	2.66±0.024c	3.44±0.100c	0.901±0.004c
	SP-A-N	0.41±0.007c	17.00±0.000b	2.80±0.009b	3.30±0.035c	0.933±0.001a
	SP-A-R	0.60±0.014b	18.66±0.333a	2.96±0.021a	4.73±0.109b	0.937±0.002a

同列不同字母表示差异显著($P<0.05$)

2.4　微生物群落功能主成分分析

为探讨不同典型林分下对土壤微生物特性起主要作用的因子,对培养 72h 的吸光度值进行主成分分析(PCA),结果表明获得的 4 种林分前两个主成分累积方差贡献率为 76.97%—95.58%,因此以前 2 个主成分 PC1、PC2 来分析细菌群落功能多样性[8]。结果(图 2)可见,不同林分 4 个处理在主成分坐标体系中分布差

异十分明显;锐齿栎在 PC1 上可将根际与非根际区分开来;在 PC2 上将非根际(秋)和根际(夏)予以区分。油松、华山松及云杉规律相似,通过 PC1 将根际(秋)与其它 3 个处理区别开来,通过 PC2 把非根际(夏)、根际(夏)、秋季进行了区分。

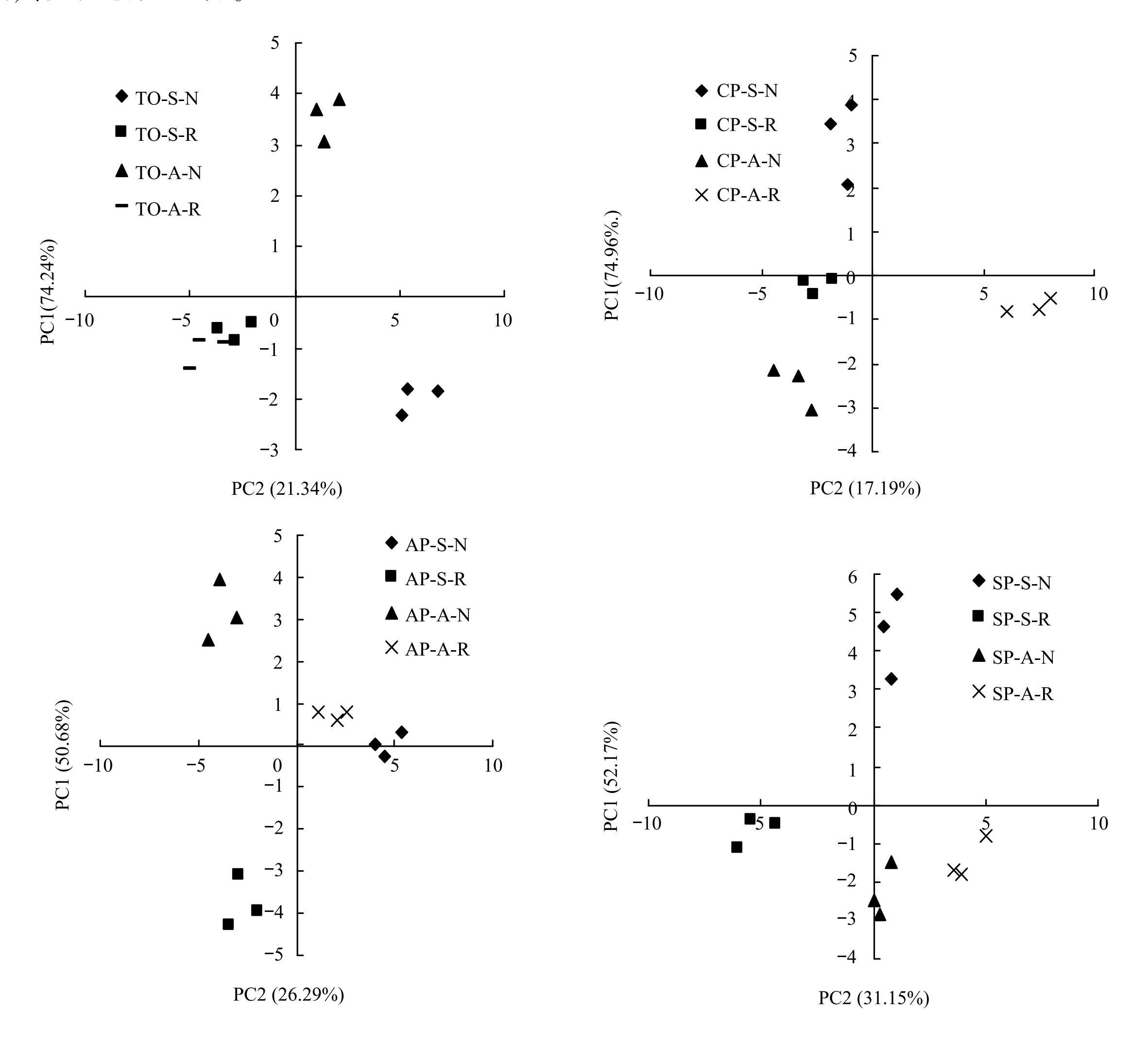


图 2 不同林木土壤细菌群落主成分分析

Fig.2 Principal component analysis of soil bacteria communities for different tree species

对主成分得分进一步分析,4 种林分优势利用碳源不同,其中 PC1 轴上表现为:锐齿栎是腐胺和 D-苹果酸;油松是 D-甘露醇和 N-乙酰-D 葡萄糖氨;华山松是 L-丝氨酸和 D-苹果酸;云杉是 L-丝氨酸和 D-葡糖胺酸。4 种林分 PC2 轴上优势利用碳源依次是 D-半乳糖酸 γ-内酯和丙酮酸甲酯、α-环式糊精和 D-葡糖胺酸、吐温 80 和腐胺、L-苯丙氨酸和苯乙胺。

计算 4 种林分主成分的综合得分发现不同林分季节间的主成分综合得分差异明显(表 4)。锐齿栎为非根际大于根际,夏季>秋季;油松、华山松和云杉规律相同,为夏季非根际较大,秋季非根际较小;季节对综合得分的影响为:根际夏季大,秋季小。对综合得分与多样性指数进行相关性分析发现,综合得分与多样性指数间的相关系数为 0.596*—0.993**,均呈现显著或极显著正相关。

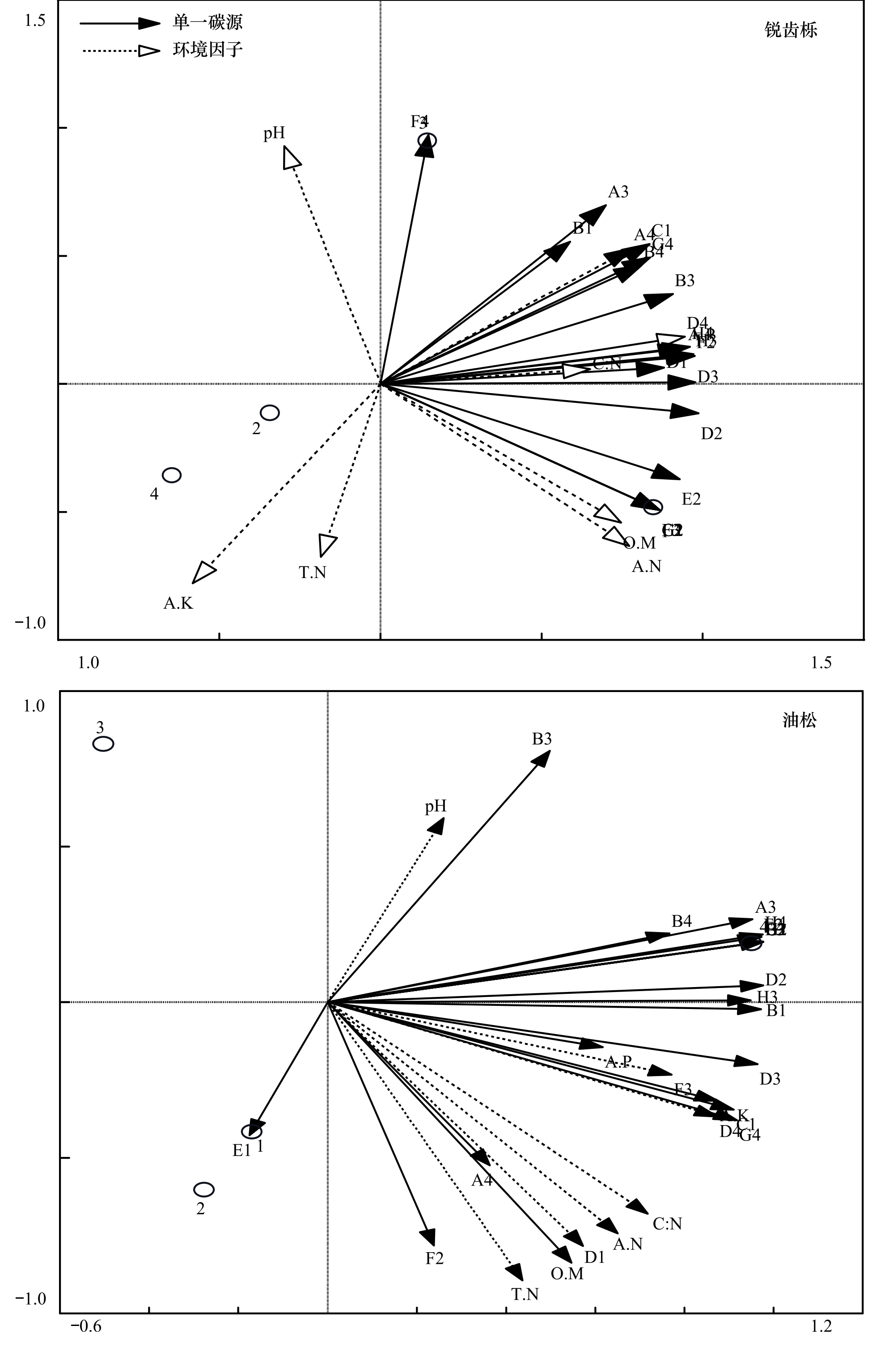
2.5 冗余分析

冗余分析可进一步确定土壤理化性质对样地土壤微生物群落碳源利用模式的影响。结果(图 3)表明,土壤理化性质对土壤微生物群落功能多样性的影响显著。不同林分对土壤中微生物群落碳源利用模式影响的环境因素不同。锐齿栎表现为有机质、碱解氮、速效磷以及碳氮比与微生物对碳源利用呈正相关;油松则表现

为 pH、有机质、全氮、碱解氮、速效磷、速效钾和碳氮比均与微生物碳源利用呈正相关;华山松基本理化性质对微生物碳源利用促进作用较小,仅碳氮比和速效磷与微生物碳源利用呈正相关;云杉则表现为有机质、全氮、碱解氮、速效磷和速效钾均与绝大多数碳源呈正相关。

3　讨论

在本研究中,同一季节,根际土壤与非根际土壤微生物功能多样性指数有很大差别,季节变化对根际与非根际土壤微生物功能多样性指数产生不同影响。夏季 4 种林分根际土壤微生物功能多样性指数均低于非根



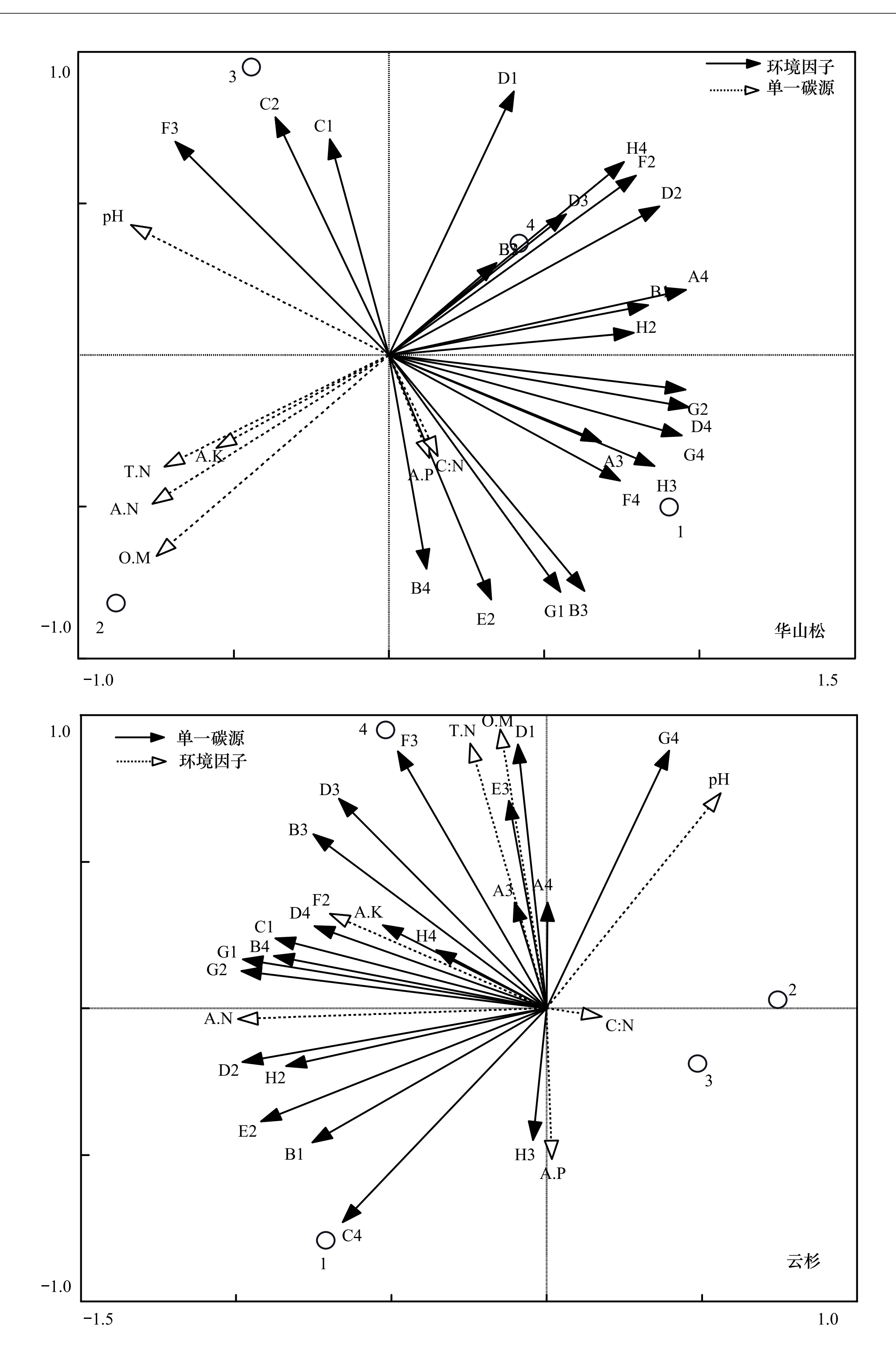


图 3 31 个单一碳源与环境因子的冗余分析

Fig.3 Redundancy analysis of 31 sole-carbon sources and environmental variables

实线箭头表示 31 种碳源,虚线箭头表示环境因子

际,主要原因是该地区雨季主要集中在夏季,且温度高,高温高湿是土壤微生物生长和繁殖的有利条件,在一定条件下根系分泌物的选择作用也会导致根际土壤微生物功能多样性指数要小于非根际土壤,即根际的负效应。此外杉木根际分泌物中,酚类物质和香草醛能引起杉木的自毒作用[21],栎林根系分泌物对固氮菌有抑制作用,均使根际微生物的数量低于非根际[22-23]。且夏季林区草本科植物以及灌木密度均远远高于林地密度。

秋季锐齿栎根际土壤微生物功能多样性指数低于非根际,但其他林分秋季的变化相反,这主要是由于林分类型不同造成的。如锐齿栎在 0—10cm 的表层土壤中须根系较少,主根发达,且锐齿栎林中的灌木旺盛,对土壤的微生物多样性影响较大;而油松、华山松和云杉在 0—10cm 的表层土壤中须根系较锐齿栎林发达,根系旺盛,这就造成了根系分泌物和脱落物的种类以及数量较大,且发达须根系也会保护根际土壤,减少外部环境变化对土壤微生物功能多样性的影响。正如 Sugden 发现的土壤微生物多样性指标越高,生态系统抵御外界干扰的能力越强[24]。而且与锐齿栎相比,这 3 种针叶林灌木相对较少,主要是草本科植物,秋季草本科植物根系对土壤影响较少。

表 4　4 个处理主成分综合得分

Table 4　The comprehensive scores of four treatments

植被 Vegetation	编号 Numbering	综合得分 comprehensive scores	植被 Vegetation	编号 Numbering	综合得分 Comprehensive scores
锐齿栎	TO-S-N	16.04	华山松	AP-S-N	9.67
	TO-S-R	-9.07		AP-S-R	-7.39
	TO-A-N	5.89		AP-A-N	-4.21
	TO-A-R	-12.86		AP-A-R	1.92
油松	CP-S-N	-2.64	云杉	SP-S-N	5.13
	CP-S-R	-8.25		SP-S-R	-10.30
	CP-A-N	-11.81		SP-A-N	-0.36
	CP-A-R	22.69		SP-A-R	5.53

不同林分下土壤微生物对 6 类碳源的利用差异显著,锐齿栎的优势群落主要为氨基酸和多聚物代谢群,油松的主要是氨基酸和胺类代谢群,华山松和云杉的主要是糖类和氨基酸类代谢群。4 种林分的弱势群落主要是羧酸类和芳香类代谢群。4 种林分中华山松林地密度最高,油松灌木密度最高,云杉草本密度和凋落物量最高,锐齿栎灌木和草本密度最低。这也佐证了微生物群落结构和功能的差异与不同优势树种的枯枝落叶的量和生物化学组成有关,同时与根系分泌物密切相关[25-26]。因为根系分泌物可通过改善根际养分环境提高养分的生物有效性,因此,林木根系对其周围的土壤微生物的数量和活性具有重要的影响[14,27]。

冗余分析揭示土壤基本理化性质对土壤微生物碳源利用影响显著。这些环境因子的差异所导致的环境异质性与土壤微生物群落有直接的关系。在 4 种林分夏、秋两季根际与非根际中,土壤碱解氮、速效磷与土壤中微生物碳利用关系密切。这是由于森林土壤中碳含量远远高于氮含量,碱解氮含量较低,并且 4 种林分中土壤速效磷含量很低,碱解氮以及速效磷成为土壤中微生物生长繁殖的限制因素,与土壤微生物生长息息相关。在 4 种林分中,pH 与绝大多数碳源利用呈负相关,这可能是由于森林土壤呈酸性,酸性条件抑制了土壤细菌种群对碳源的利用[28]。

4　结论

综上所述,研究表明夏、秋两季 4 种林分土壤微生物功能多样性表现为锐齿栎根际小于非根际,而其它针叶林则为夏季根际和秋季非根际的较小;不同季节下的土壤微生物功能多样性差异显著,其中锐齿栎为秋季低于夏季,其他林分为非根际土秋季低于夏季,而根际土相反;主成分分析显示 4 种林分夏、秋两季根际与非根际主成分综合得分显著不同,且计算得到的综合得分与多样性指数达显著或极显著正相关,非根际土壤综合得分中锐齿栎最高,其次是华山松和云杉,油松最低;根际土夏季华山松和油松较高,云杉最低,秋季油松和云杉较高,锐齿栎最低。冗余分析表明土壤理化性质的综合作用对土壤微生物群落功能多样性有显著影响。

参考文献(References):

[1]　赵永华, 雷瑞德, 何兴元, 贾夏. 秦岭锐齿栎林种群生态位特征研究. 应用生态学报, 2004, 15(6): 913-918.

[2] Marilley L, Vogt G, Blanc M, Aragno M. Bacterial diversity in the bulk soil and rhizosphere fractions of *Lolium perenne* and *Trifolium repens* as revealed by PCR restriction analysis of 16S rDNA. Plant and Soil, 1998, 198(2): 219-224.

[3] Jjemba P K, Alexander M. Possible determinants of rhizosphere competence of bacteria. Soil Biology and Biochemistry, 1999, 31(4): 623-632.

[4] 纪婧琦, 夏志洁, 司红丽, 戴美学. 不同品种及农作方式对盐碱地甘薯根际微生物的影响. 山东科学, 2013, 26(1): 22-27.

[5] 陈凯, 王智文, 刘训理, 孙海新, 薛东红, 吴凡. 圆孢芽孢杆菌 A95 的分离与鉴定. 蚕业科学, 2006, 32(2): 211-214.

[6] 王超, 吴凡, 刘训理, 刘兵. 不同肥力条件下烟草根际微生物的初步研究. 中国烟草科学, 2005, 26(2): 12-14.

[7] 徐文静, 靳晓东, 杨秋生. 植物根际微生物的影响因素研究进展. 河南农业科学, 2014, 43(5): 6-12.

[8] Grayston S J, Wang S, Campbell C D, Edwards A C. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 30(3): 369-378.

[9] 肖育贵, 胡震宇. 不同林型土壤微生物种群数量及养分变化分析. 四川林业科技, 1997, 18(4): 32-35.

[10] 张海涵, 唐明, 陈辉. 黄土高原典型林木根际土壤微生物群落结构与功能特征及其环境指示意义. 环境科学, 2009, 30(8): 2432-2437.

[11] 张海涵, 唐明, 陈辉, 杜小刚. 黄土高原 5 种造林树种菌根根际土壤微生物群落多样性研究. 北京林业大学学报, 2008, 30(3): 85-90.

[12] 郑华, 欧阳志云, 王效科, 方治国, 赵同谦, 苗鸿. 不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响. 应用生态学报, 2004, 15(11): 2019-2024.

[13] Zhang B, Yang Y S, Zepp H. Effect of vegetation restoration on soil and water erosion and nutrient losses of a severely eroded clayey Plinthudult in southeastern China. Catena, 2004, 57(1): 77-90.

[14] 田呈明, 刘建军, 梁英梅, 刘永华. 秦岭火地塘林区森林根际微生物及其土壤生化特性研究. 水土保持通报, 1999, 19(2): 19-22.

[15] 崔芳芳, 刘增文, 付刚, 段而军, 高文俊. 秦岭山区几种典型森林的土壤微生物特征及其对人为干扰的响应. 西北林学院学报, 2008, 23(2): 129-134.

[16] Cheng F, Peng X B, Zhao P, Yuan J, Zhong C G, Cheng Y L, Cui C, Zhang S X. Soil microbial biomass, basal respiration and enzyme activity of main forest types in the Qinling Mountains. PLoS One, 2013, 8(6): e67353.

[17] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.

[18] Papatheodorou E M, Efthimiadou E, Stamou G P. Functional diversity of soil bacteria as affected by management practices and phenological stage of *Phaseolus vulgaris*. European Journal of Soil Biology, 2008, 44(4): 429-536.

[19] Kong W D, Zhu Y G, Fu B J, Marschner P, He J Z. The veterinary antibiotic oxytetracycline and Cu influence functional diversity of the soil microbial community. Environmental Pollution, 2006, 143(1): 129-137.

[20] Verschuere L, Fievez V, Van Vooren L, Verstraete W. The contribution of individual populations to the Biolog pattern of model microbial communities. FEMS Microbiology Ecology, 1997, 24(4): 353-362.

[21] Huang Z Q, Liao L P, Wang S L, Cao G Q. Allelopathy of phenolics from decomposing stump-roots in replant Chinese fir woodland. Journal of Chemical Ecology, 2000, 26(9): 2211-2219.

[22] 蒋秋怡, 叶仲节, 钱新标, 姜培坤. 杉木根际土壤微生物和酶活性初探. 土壤, 1993, 25(5): 271-273.

[23] 杨玉盛, 何宗明, 邹双全, 俞新妥. 格氏栲天然林与人工林根际土壤微生物及其生化特性的研究. 生态学报, 1998, 18(2): 198-202.

[24] Sugden A M. Diversity & ecosystem resilience. Science, 2000, 290(5490): 233-235.

[25] Johansson M B. The chemical composition of needle and leaf litter from Scots pine, Norway spruce and white birch in Scandinavian forests. Forestry, 1995, 68(1): 49-62.

[26] Grayston S J, Campbell C D. Functional biodiversity of microbial communities in the rhizospheres of hybrid larch (*Larix eurolepis*) and Sitka spruce (*Picea sitchensis*). Tree Physiology, 1996, 16(11-12): 1031-1038.

[27] 焦如珍, 杨承栋. 不同代杉木人工林根际及非根际土壤微生物数量及种类的变化. 林业科学研究, 1999, 12(1): 13-18.

[28] 胡婵娟, 傅伯杰, 刘国华, 靳甜甜, 刘宇. 黄土丘陵沟壑区典型人工林下土壤微生物功能多样性. 生态学报, 2009, 29(2): 727-733.